

EXHIBIT A

Sequence alignment (SEQ ID NO:1 top and SEQ ID NO:3 bottom)

>_____ 861 nt vs.
>_____ 796 nt
scoring matrix: , gap penalties: -12/-2
92.0% identity; Global alignment score: 3006

10	20	30	40	50	60
935757	ATGAACAAGTTGAAATCATCGCAGAAGGATAAAGTCGTCAGTTATGATCTCACACAA				
	-----	::::::::::	::::::::::	::::::::::	::::::::::
-		CGTCAGTTATGATCTCACACAA			
		10	20		
70	80	90	100	110	120
935757	TCTAGTGAAAAAACAGCAGTAAGTTGCTTCTCAAAATGACTGGAAGTTAGATGTTGCA				
	::::::::::	::::::::::	::::::::::	::::::::::	::::::::::
-	TCTAGTGAAAAAACAGCAGTAAGTTGCTTCTCAAAATGACTGGAAGTTAGATGTTGCA				
	30	40	50	60	80
130	140	150	160	170	180
935757	ACAGATAATTTCACAAATCCTGAACTTATATACGAGAGAGTGTAAAAGGATCATTG				
	::::::::::	::::::::::	::::::::::	::::::::::	::::::::::
-	ACAGATAATTTCACAAATCCTGAACTTATATACGAGAGAGTGTAAAAGGATCATTG				
	90	100	110	120	130
190	200	210	220	230	240
935757	GACAGGAAGAAGTTAGAACAGCTGTACAATAGATACAAAGACCCTCAAGATGAGAATAAA				
	::::::::::	::::::::::	::::::::::	::::::::::	::::::::::
-	GACAGGAAGAAGTTAGAACAGCTGTACAATAGATACAAAGACCCTCAAGATGAGAATAAA				
	150	160	170	180	200
250	260	270	280	290	300
935757	ATTGGAAATAGATGGCATACAGCAGTTCTGTGATGACCTGGCACTCGATCCAGCCAGCATT				
	::::::::::	::::::::::	::::::::::	::::::::::	::::::::::
-	ATTGGAAATAGATGGCATACAGCAGTTCTGTGATGACCTGGCACTCGATCCAGCCAGCATT				
	210	220	230	240	250
310	320	330	340	350	360
935757	AGTGTGTTGATTATTGCATGGAAGTTAGAGCAGCAACACAGTGCAGTTCTCCAAACAG				
	::::::::::	::::::::::	::::::::::	::::::::::	::::::::::
-	AGTGTGTTGATTATTGCATGGAAGTTAGAGCAGCAACACAGTGCAGTTCTCCAAACAG				
	270	280	290	300	310
370	380	390	400	410	420
935757	GAGTTCATGGATGGCATGACAGAATTAGGATGTGACAGCATAGAAAAACTAAAGGCCAG				
	::::::::::	::::::::::	::::::::::	::::::::::	::::::::::
-	GAGTTCATGGATGGCATGACAGAATTAGGATGTGACAGCACAGAAAAACTAAAGGCCAG				
	330	340	350	360	370
430	440	450	460	470	480
935757	ATACCCAAGATGGAACAAGAATTGAAAGAACCGAGGACGATTAAAGGATTTCACCAGTT				

```

:
ATACCCAAGATGGAACAAGAATTGAAAGAACCGAGCAGATTAAAGGATTACCAAGTTT
390      400      410      420      430      440

        490      500      510      520      530      540
935757 ACTTTAATTTGCAAAGAACATCCAGGACAAAAGGGATTAGATCTAGAAATGCCATTGCC
:
ACTTTAATTTGCAAAGAACATCCAGGACAAAAGGGATTAGATCTAGAAATGCCATTGCC
450      460      470      480      490      500

        550      560      570      580      590      600
935757 TACTGGAACCTAGTGCTTAATGGAAGATTAAATTCTTAGACTTATGGAATAAATTTG
:
TACTGGAACCTAGTGCTTAATGGAAGATTAGACTCTTAGACTTATGGAATAAATTTG
510      520      530      540      550      560

        610      620      630      640      650      660
935757 TTGGAACATCATAAACGATCAATACCAAAAGACACTTGGAACTTCTTTAGACTTCAGT
:
TTGGAACATCATAAACGATCAATACCAAAAGACACTTGGAACTTCTTTAGACTTCAGT
570      580      590      600      610      620

        670      680      690      700      710      720
935757 ACGATGATTGCAGATGACATGTCTAATTATGATGAAGAAGGAGCATGGCCTGTTCTTATT
:
ACGATGATTGCAGATGACATGTCTAATTATGATGAAGAAGGAGCATGGCCTGTTCTTATT
630      640      650      660      670      680

        730      740      750      760      770      780
935757 GATGACTTTGTGGAATTGCAACGCCCTCAAATTGCTGGACAAAAAGTACAACAGTGTAG
:
GATGACTTTGTGGAATTGCAACGCCCTCAAATTGCTGGACAAAAAGTACAACAGTGTAG
690      700      710      720      730      740

        790      800      810      820      830      840
935757 CACTAAAGGAACCTCTAGAATGTACATAGTCTGTACAATAATACAACAGAAAATTGCA
:
CACTAAAGGAACCTCTAGAATGTACATAGTCTGTACAATAATACAACAGA-----
750      760      770      780      790

        850      860
935757 CAGTCAATTCTGCTGGCTGG
-----
```

Elapsed time: 0:00